



actualité
scientifique

La structure du nucléoïde de mimivirus révèle un paradoxe évolutif

Mimivirus est le premier virus géant de la famille des *Mimiviridae*.

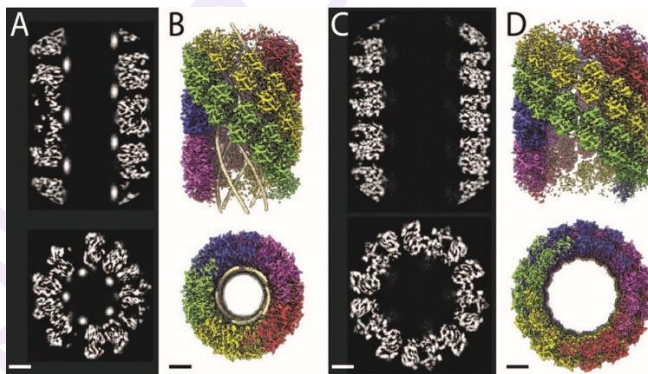
Depuis sa découverte en 2003, mimivirus, qui infecte les amibes du genre *Acanthamoeba*, a été le plus étudié des virus géants. On a ainsi imagé son cycle répliatif, la fonction de ses gènes, l'enchaînement de leur expression, la composition protéique, ou encore la détermination détaillée de la structure tridimensionnelle de la particule virale - icosaédrique - aux dimensions spectaculaires (0.75 micron de diamètre), recouverte d'une couche de fibres lui donnant en microscopie électronique une apparence « chevelue » caractéristique. Par-contre, les modalités de la compaction de son génome au centre de la particule virale restait inconnues.

Les premières données ont été obtenues après l'ouverture des capsides virales et l'extraction du nucléoïde en préservant la structure : il contenait des fibres longues de plusieurs microns et d'environ 30 nm de diamètre. La structure de ces fibres a été analysée par cryomicroscopie électronique : elle apparaissait comme un enchevêtrement d'une hélice à 5 brins constituée de protéines formant une coquille externe de 8 nm d'épaisseur, bordée de 5 brins de double-hélice ADN et contenant l'ARN polymérase en son centre ! Une conformation alternative de la fibre, constituée d'une hélice à 6 brins imbriqués d'une manière similaire, a également été identifiée, à 4 Å de résolution.

Au-delà de la structure originale de ce « chromosome » viral, on a pu établir, avec surprise, que deux oxydoréductases virales constituaient l'échafaudage des hélices protéiques.

Cette nouvelle donnée était inattendue pour deux raisons : ce type de protéines, enzymes assez banales du métabolisme, n'avait jamais été décrit dans la compaction des acides nucléiques..., et ces mêmes enzymes étaient présentes dans l'emballage chevelu de la particule de mimivirus.

La présence du même couple de protéines dans deux compartiments différents, sans la moindre relation fonctionnelle, est particulièrement paradoxal et interroge sur les pressions évolutives conduisant à une telle organisation pour un virus codant pour près d'un millier de protéines.



Cartes de microscopie électronique de la fibre génomique de mimivirus. A, C : coupes longitudinales (haut) et transversales (bas) au milieu de la carte de la forme compacte (A) contenant l'ADN et de la forme relaxée (C) où l'ADN n'est plus visible. B, D : vue longitudinale (haut) et orthogonale (bas) des cartes de microscopie électronique avec chaque brin du ruban formant l'hélice coloré différemment pour la forme compacte (B) et la forme relaxée (D). Quelques unités répétées en surface de la carte ont été supprimées pour permettre de voir les brins d'ADN dans la forme compacte. Barre d'échelle 5 nm. © Chantal Abergel

[Pour en savoir plus...](#)

[The giant mimivirus 1.2 Mb genome is elegantly organized into a 30 nm diameter helical protein shield.](#)

Villalta A., Abergel C et al., *eLife*, doi: [10.7554/eLife.77607](https://doi.org/10.7554/eLife.77607)